

ALGORITMOS BIOINSPIRADOS

La aplicación del ordenador al estudio de la Naturaleza ha conducido desde sus orígenes a espectaculares simulaciones.

Sin embargo, y desde los orígenes de la simulación, los científicos e ingenieros emprendieron otro camino: aquel en el que es la propia Naturaleza la que se convierte en fuente de inspiración, diseñándose desde entonces un número cada vez mayor de procedimientos computacionales o algoritmos bioinspirados de probada eficacia y utilidad.

Redes Neuronales

Algoritmos Genéticos

Algoritmos evolutivos

Modelos basados en el comportamiento de las hormigas

Algoritmos basados en el Sistema Inmunológico

Computación Molecular

Etc.

REDES NEURONALES ARTIFICIALES

(Modelos Conexionistas)

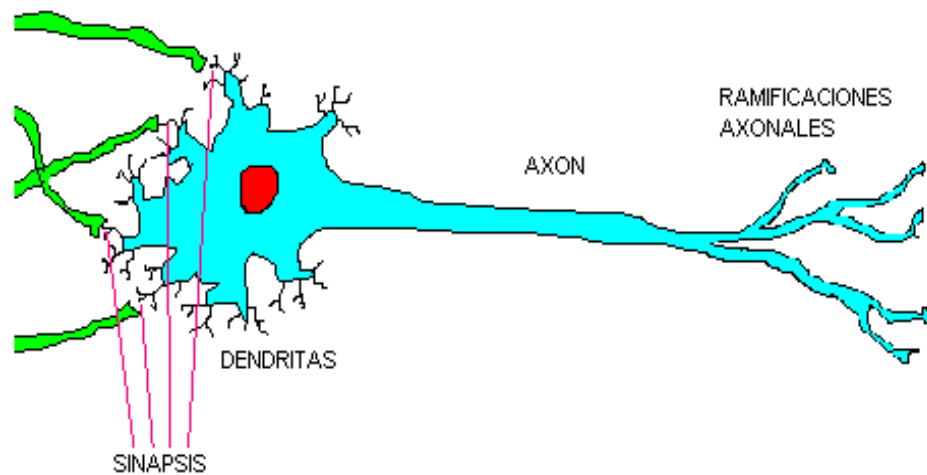
Son modelos de aprendizaje y aproximación inspirados en el comportamiento del cerebro biológico.

Redes neuronales biológicas

El cerebro humano se compone de millones de neuronas interconectadas entre sí.

Una neurona típica recoge señales procedentes de otras neuronas a través de unas estructuras llamadas dendritas.

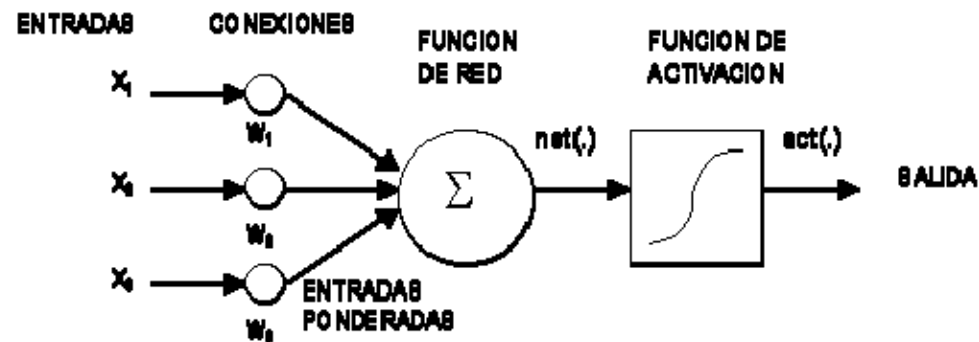
La neurona emite impulsos eléctricos a lo largo de una fibra axón, que se escinde en millares de ramificaciones.



Estas ramificaciones llegan hasta las dendritas de otras neuronas y establecen unas conexiones llamadas sinapsis. De esta manera la información se transmite de unas neuronas a otras y va siendo procesada a través de las conexiones sinápticas y las propias neuronas.

Un poco de historia

Podríamos situar el origen de los modelos conexionistas con la definición de la neurona formal dada por McCulloch y Pitts en 1943 como un dispositivo binario con varias entradas y salidas.



Neuronas Biológicas	Neuronas Artificiales
Neuronas	Unidades de proceso
Conexiones sinápticas	Conexiones ponderadas
Efectividad de las sinápsis	Peso de las conexiones
Efecto excitatorio o inhibitorio de una conexión	Signo del peso de una conexión
Efecto combinado de las sinápsis	Función de propagación o de red
Activación -> tasa de disparo	Función de activación -> Salida

Un psicólogo, D.O. Hebb, introdujo en 1949 dos ideas fundamentales:

- una percepción o un concepto se representa en el cerebro por un conjunto de neuronas activas simultáneamente;
- la memoria se localiza en las conexiones entre las neuronas (sinápsis).

Regla aprendizaje de Hebb : las conexiones entre dos neuronas se refuerzan si ambas son activadas.

En 1956 se organizó en Dartmouth la primera conferencia sobre IA. Aquí se presentó la primera simulación de una red neuronal, aunque todavía no se sabían interpretar los datos resultantes.

En 1959, Widrow publica una teoría sobre la adaptación neuronal y unos modelos inspirados en esa teoría, el Adaline (Adaptative Linear Neuron) y el Madaline (Multiple Adaline).

Estos modelos fueron usados en numerosas aplicaciones y permitieron usar, por primera vez, una red neuronal en un problema importante del mundo real: filtros adaptativos para eliminar ecos en las líneas telefónicas.

En 1962, Rosemblatt(Rosemblatt 1962) publica los resultados de un ambicioso proyecto de investigación, el desarrollo del Perceptrón, un identificador de patrones ópticos binarios, y salida binaria.

Las capacidades del Perceptrón se extendieron al desarrollar la regla de aprendizaje delta, que permitía emplear señales continuas de entrada y salida.

1969, Minsky y Papert (Minsky & Papert 1969))realizan una seria crítica del Perceptrón, revelando serias limitaciones.

Este trabajo creó serias dudas sobre las capacidades de los modelos conexionistas y provocó una caída en picado de las investigaciones.

En los años 70, a pesar del duro golpe que supuso el trabajo de Minsky y Papert algunos investigadores siguió trabajando:

Anderson (Anderson, Silverstein, Ritz & Jomnes 1977) estudia y desarrolla modelos de memorias asociativas. Destaca el autoasociador lineal conocido como modelo brain-state-in-a-box (BSB).

Kohonen (Kohonen 1984) continua el trabajo de Anderson y desarrolla modelos de aprendizaje competitivo basados en el principio de inhibición lateral.

Grossberg (Grossberg 1987) realizó un importante trabajo teórico - matemático tratando de basarse en principios fisiológicos.

Años 80: En esta década se produce el renacimiento del interés por el campo:

Rumelhart, McClelland & Hinton crean el grupo PDP (Parallel Distributed Processing).

De los trabajos de este grupo destaca el algoritmo de retropropagación, que soluciona los problemas planteados por Minsky y Paper.

Hopfield (Hopfield 1982) elabora un modelo de red aplicando los principios de estabilidad de Grossberg. El modelo de Hopfield es muy ilustrativo sobre los mecanismos de almacenamiento y recuperación de la memoria.

Otros desarrollos destacables de esta década son la máquina de Boltzmann (Hinton & Sejnowski 1986) y los modelos BAM (Kosko 1987)

Estructura y formas de interconexión

Para diseñar una red debemos establecer:

Estructura de las Neuronas Artificiales,

Establecer como estarán conectadas unas unidades con otras,

Determinar los pesos de las conexiones (Entrenamiento).

Tipos de Neuronas

Binarias/reales

Activación sigmoideal

Funciones de base radial

Modos de interconexión

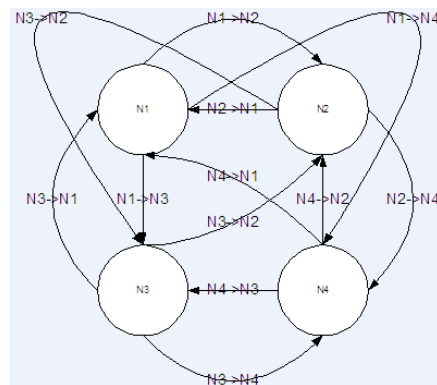
Feedforward: La red se organiza por capas de modo que la salida de una capa constituye la entrada de la siguiente.

Recurrentes: estáticas/ dinámicas

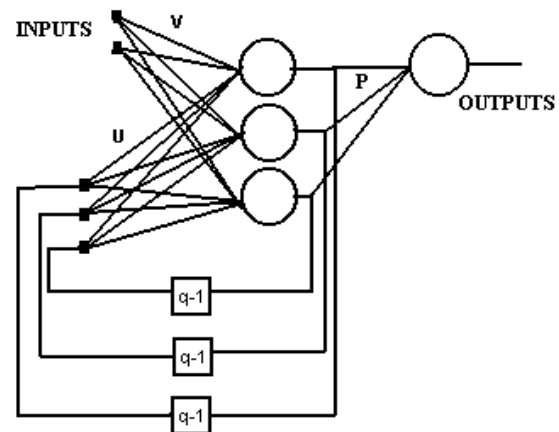
Existe algún tipo de recurrencia.

• **PARTICULARIDAD:** PRESENTAN ALGÚN TIPO DE REALIMENTACIÓN.

• **EJEMPLOS:** HOPFIELD, SOM, ELMAN, RECURRENTES DE SEGUNDO ORDEN...

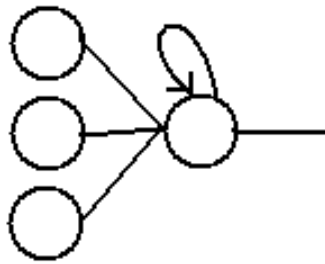


RNR
HOPFIELD

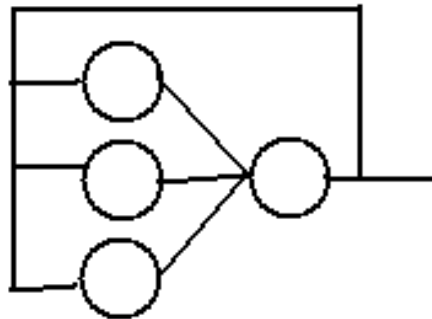


RNR ELMAN

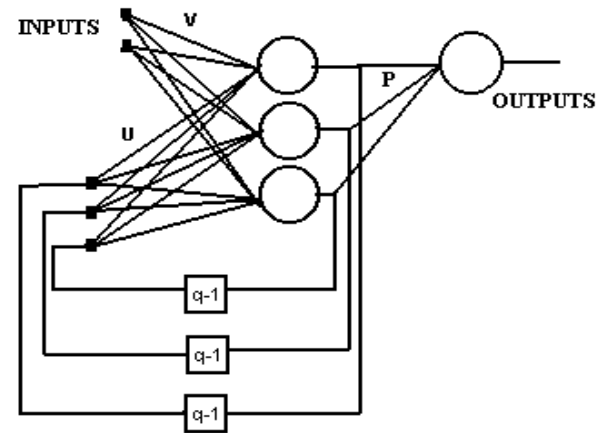
TIPOS DE RECURRENCIA



**RECURRENCIA
LOCAL**



**RECURRENCIA
GLOBAL**



**RECURRENCIA
MIXTA**

Aprendizaje (entrenamiento)

Determinación de los pesos de modo que la relación de entrada-salida de la red capture la información contenida en una tabla (X,Y) de pares de entrada salida.

Propósitos: interpolación y generalización.

Métodos: Minimización del error cuadrático

Distintas visiones o enfoques actuales de los modelos conexionistas

Enfoque computacional: Desde esta aproximación se intentan desarrollar modelos de computación eficientes,

Enfoque cognitivo: Se interesa sobre todo por las capacidades cognitivas de estos modelos,

Enfoque biocognitivo: Parecido al anterior pero tomando como premisa la plausibilidad biológica de los modelos.

LOS ALGORITMOS GENETICOS

La teoría de la evolución (que no es tal teoría, sino una serie de hechos probados), fue descrita por Charles Darwin.

Los cambios heredables en los seres vivos y la selección son los dos hechos que provocan el cambio en la Naturaleza y la generación de nuevas especies.

Pero Darwin desconocía cual es la base de la herencia.

Pensaba que los rasgos de un ser vivo eran como un fluido, y que los "fluidos" de los dos padres se mezclaban en la descendencia.

Fue Mendel quien descubrió que los caracteres se heredaban de forma discreta, y que se tomaban del padre o de la madre.

En realidad, las teorías de Mendel, que trabajó en total aislamiento, se olvidaron y no se volvieron a redescubrir hasta principios del siglo XX.

Además, hasta 1930 el geneticista inglés Robert Aylmer no relacionó ambas teorías, demostrando que los genes mendelianos eran los que proporcionaban el mecanismo necesario para la evolución.

Más o menos por la misma época, el biólogo alemán Walther Flemming describió los cromosomas.

Poco más adelante se descubrió que las células de cada especie viviente tenían un número fijo y característico de cromosomas.

En los años 50, cuando Watson y Crick descubrieron que la base molecular de los genes está en el ADN, ácido desoxirribonucleico.

A principios de los 60, John Holland en la Universidad de Michigan en Ann Arbor, "descubre" la teoría genética de la selección natural y concluye que la evolución era una forma de adaptación más potente que el simple aprendizaje, y tomó la decisión de aplicar estas ideas para desarrollar programas bien adaptados para un fin determinado.

En esa universidad, Holland impartía un curso titulado Teoría de sistemas adaptativos. Dentro de este curso, fue donde se crearon las ideas que más tarde se convertirían en los algoritmos genéticos.

Cuando Holland se enfrentó a los algoritmos genéticos, los objetivos de su investigación fueron dos:

imitar los procesos adaptativos de los sistemas naturales y

diseñar sistemas artificiales (normalmente programas) que retengan los mecanismos importantes de los sistemas naturales.

Unos 15 años más adelante, David Goldberg, actual delfín de los algoritmos genéticos, conoció a Holland, y se convirtió en su estudiante.

Golberg era un ingeniero industrial trabajando en diseño de pipelines, y fue uno de los primeros que trató de aplicar los algoritmos genéticos a problemas industriales.

Aunque Holland trató de disuadirle, porque pensaba que el problema era excesivamente complicado como para aplicarle algoritmos genéticos, Goldberg consiguió lo que quería, escribiendo un algoritmo genético en un ordenador personal Apple II.

Estas y otras aplicaciones creadas por estudiantes de Holland convirtieron a los algoritmos genéticos en un campo con base suficiente aceptado para celebrar la primera conferencia en 1985, ICGA'85. Tal conferencia se sigue celebrando bianualmente.

Hoy los algoritmos genéticos son métodos sistemáticos para la resolución de problemas de búsqueda y optimización que aplican a estos los mismos métodos de la evolución biológica:

selección basada en la población,

reproducción sexual y

mutación.

Esquema de un algoritmo genetico

Supongamos que se trata de hallar (x_1, \dots, x_n) tal que $F(x_1, \dots, x_n)$ sea máximo.

En un algoritmo genético, (x_1, \dots, x_n) se codifica en un cromosoma.

El algoritmo genético procede de la forma siguiente:

Inicialmentese genera al azar una población de cromosomas.

Se evalua $F(x_1, \dots, x_n)$ para cada uno de los cromosomas.

Se seleccionan los mejores de acuerdo con su puntuación,

Se cruzan cromosomas escogidos por algún método de selección,

Se genera una nueva población con los mejores seleccionados y los procedentes del cruce y se vuelve al paso de evaluación.

El diseño de un algoritmo genético conlleva una serie de decisiones:

Forma de codificación para generar los cromosomas,

Tamaño de las poblaciones,

Número de individuos que se seleccionan por puntuación,

Mecanismo de selección para cruce,

Mecanismo de cruce,

Condiciones y mecanismo de mutación,

Condición de terminación.

Se han desarrollado múltiples variantes para cada una de estas decisiones dando lugar a una enorme variedad de Algoritmos Genéticos.

Por otro lado los algoritmos genéticos se han combinado con otras heurísticas para dar lugar a los denominados Algoritmos Híbridos.

Hoy en día se habla genéricamente de Algoritmos Evolutivos.

Programación Evolutiva

AUTOMATAS CELULARES

Un *Autómata Celular*, (AC), es un modelo formal que está compuesto por un conjunto de *células*, *entes* o *agentes*, cada uno de ellos susceptible de encontrarse en un cierto estado y de cambiarlo de un instante al siguiente, asumiendo que el tiempo transcurre de forma discreta.

La regla que gobierna la transición de estados en los entes es sensible a los estados de los demás elementos en su vecindad, siendo por tanto una *regla de transición local*.

El aspecto que más caracteriza a los ACs es su capacidad para dotar al conjunto del sistema, visto globalmente, de una serie de propiedades emergentes inducidas por la propia dinámica local.

Un Autómata Celular tiene las siguientes características:

1. Un espacio formado por un conjunto finito de celdas distribuidas en una rejilla regular n-dimensional.
2. Cada celda puede estar en un único estado en determinado instante de tiempo.
3. El estado de las celdas cambia de un instante a otro de acuerdo a un conjunto de reglas de evolución comunes a todas las celdas.
4. El vecindario de una celda esta formado por las celdas adyacentes y se define igual para todas las celdas del autómata. El vecindario influye en el cambio de estado.



El primer AC estudiado se debe a John von Neumann (1903-1957), interesado por definir una estructura formal capaz de auto-replicarse, al modo como lo hacen los organismos biológicos.

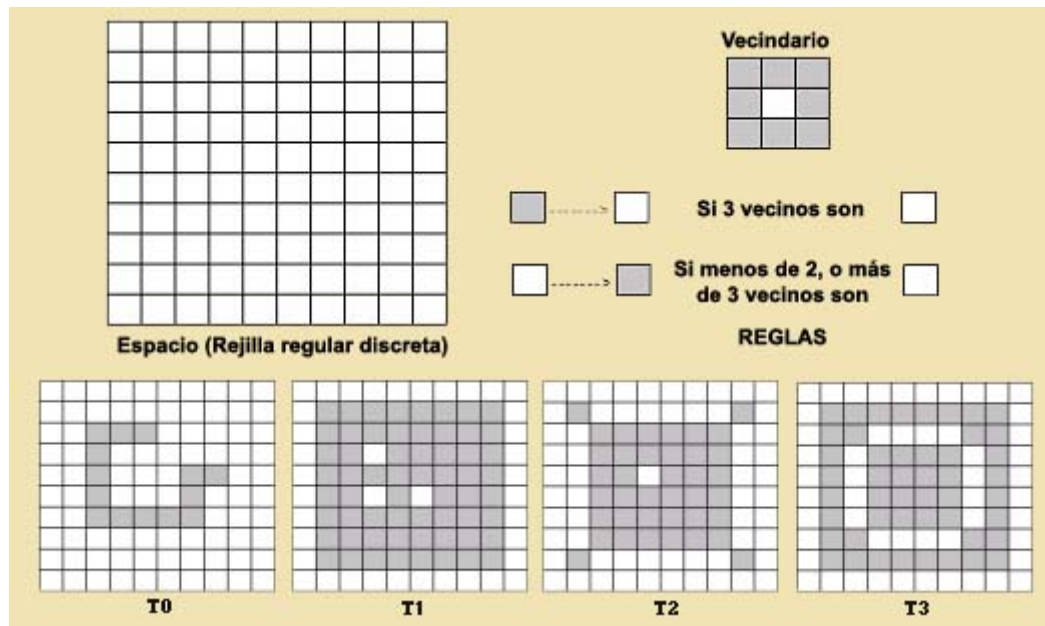
Cuando el número de celdas es finito, las vecindades en los bordes o extremos deben ser tratadas de forma especial. Se suelen considerar las siguientes condiciones:

- Bordes periódicos. Células opuestas se consideran vecinas, de forma que en un AC de una dimensión, el segmento se convierte en una circunferencia y en un retículo plano la superficie se convierte en un toro.
- Bordes absorbentes. Las células de los bordes no tienen vecinos más allá de los límites del retículo.

En 1970 se publicó como una curiosidad de matemática recreativa el *Juego de la Vida* (JV), ideado por John Conway.

Se trata de un AC donde las células pueden estar en un estado de vivas (1) o muertas (0).

En la siguiente figura se presenta un ejemplo del autómata que define el "Juego de la Vida".



Autómata Celular del "Juego de la Vida".

Partiendo de cierta configuración inicial, los estados de las células evolucionan en el tiempo.

Algunos grupos de células forman agregados impredecibles y extraños objetos aparecen, se mueven y desaparecen por todo el plano.

Mucha gente empezó a jugar al JV buscando configuraciones iniciales que evolucionasen hacia estados más o menos curiosos.

Se consiguió demostrar que el JV es equivalente a la Máquina de Turing Universal, idea que justificó el interés por la construcción de máquinas de cómputo paralelo o celulares.

Los años 80 fueron la gran década de todos estos modelos de procesamiento en paralelo. Brevemente, citar el exhaustivo trabajo de Stephen Wolfram sobre los *Autómatas Celulares Lineales*.

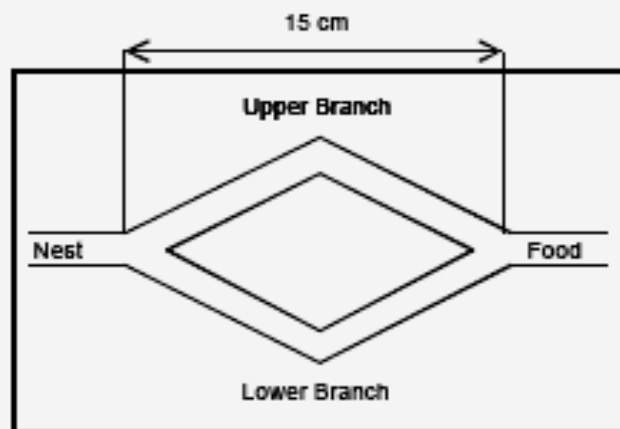
ALGORITMOS BASADOS EN EL COMPORTAMIENTO DE LAS HORMIGAS

Estos algoritmos se basan en el comportamiento colectivo de las hormigas en la búsqueda de alimentos para su subsistencia.

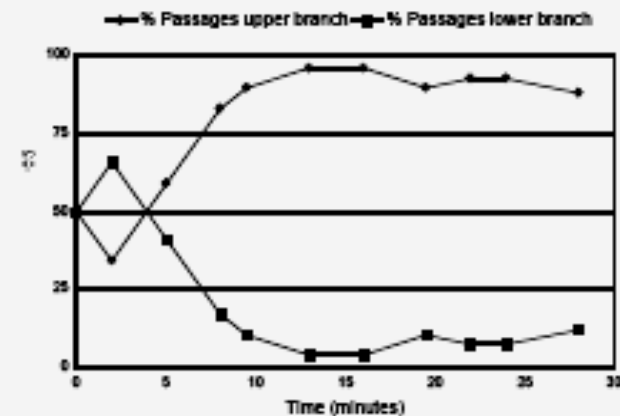
Resulta fascinante entender como animales casi ciegos, moviéndose aproximadamente al azar, pueden encontrar el camino más corto desde su nido hasta la fuente de alimentos y regresar.

Para esto, cuando una hormiga se mueve, deja una señal odorífera, depositando una sustancia denominada feromona, para que las demás puedan seguirla.

En principio, una hormiga aislada se mueve esencialmente al azar, pero las siguientes deciden con probabilidad proporcional a la cantidad de feromonas.

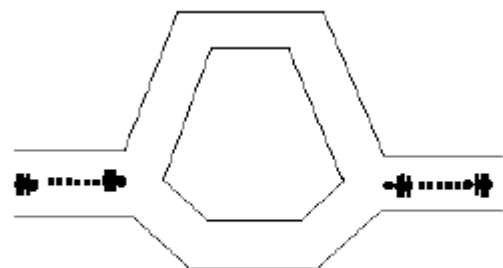


(a)

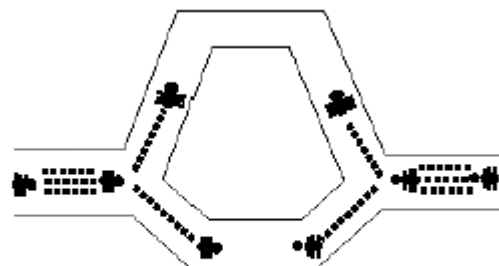


(b)

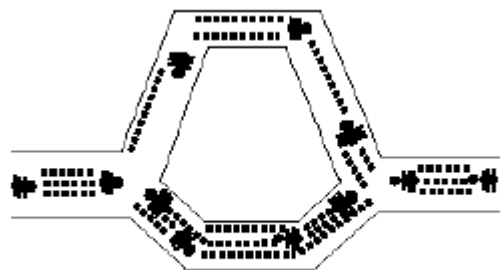
Figure 1. Single bridge experiment. (a) Experimental setup. (b) Results for a typical single trial, showing the percentage of passages on each of the two branches per unit of time as a function of time. Eventually, after an initial short transitory phase, the upper branch becomes the most used. After Deneubourg et al., 1990 [25].



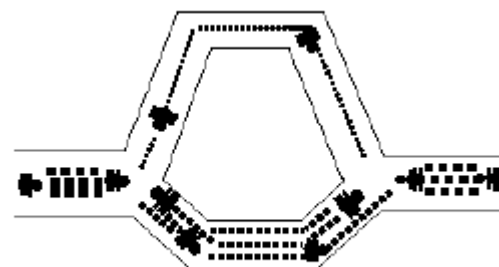
(a)



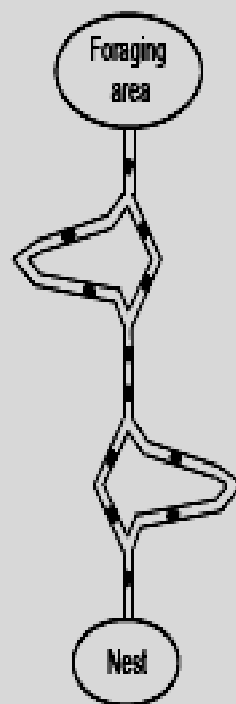
(b)



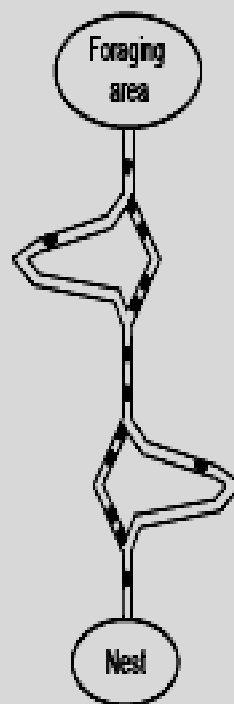
(c)



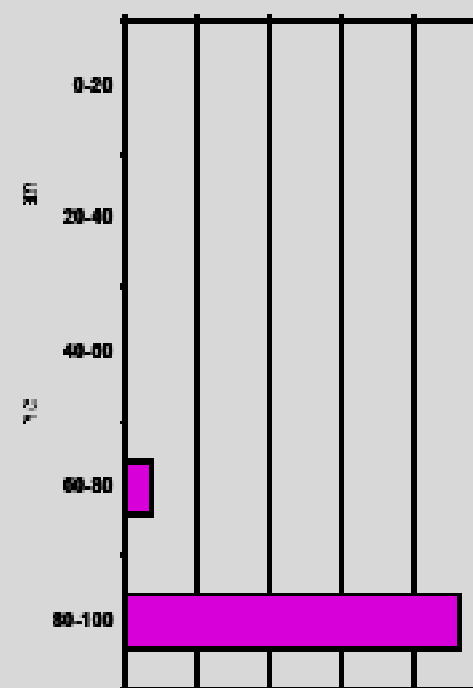
(d)



(a)



(b)



(c)

Figure 2. Double bridge experiment. (a) Ants start exploring the double bridge. (b) Eventually most of the ants choose the shortest path. (c) Distribution of the percentage of ants that selected the shorter path. After Goss et al. 1989 [60].

Esta innovadora técnica basada en agentes muy simples llamados hormigas, nació con la tesis doctoral de Marco Dorigo (1992).

Hormiga Artificial:

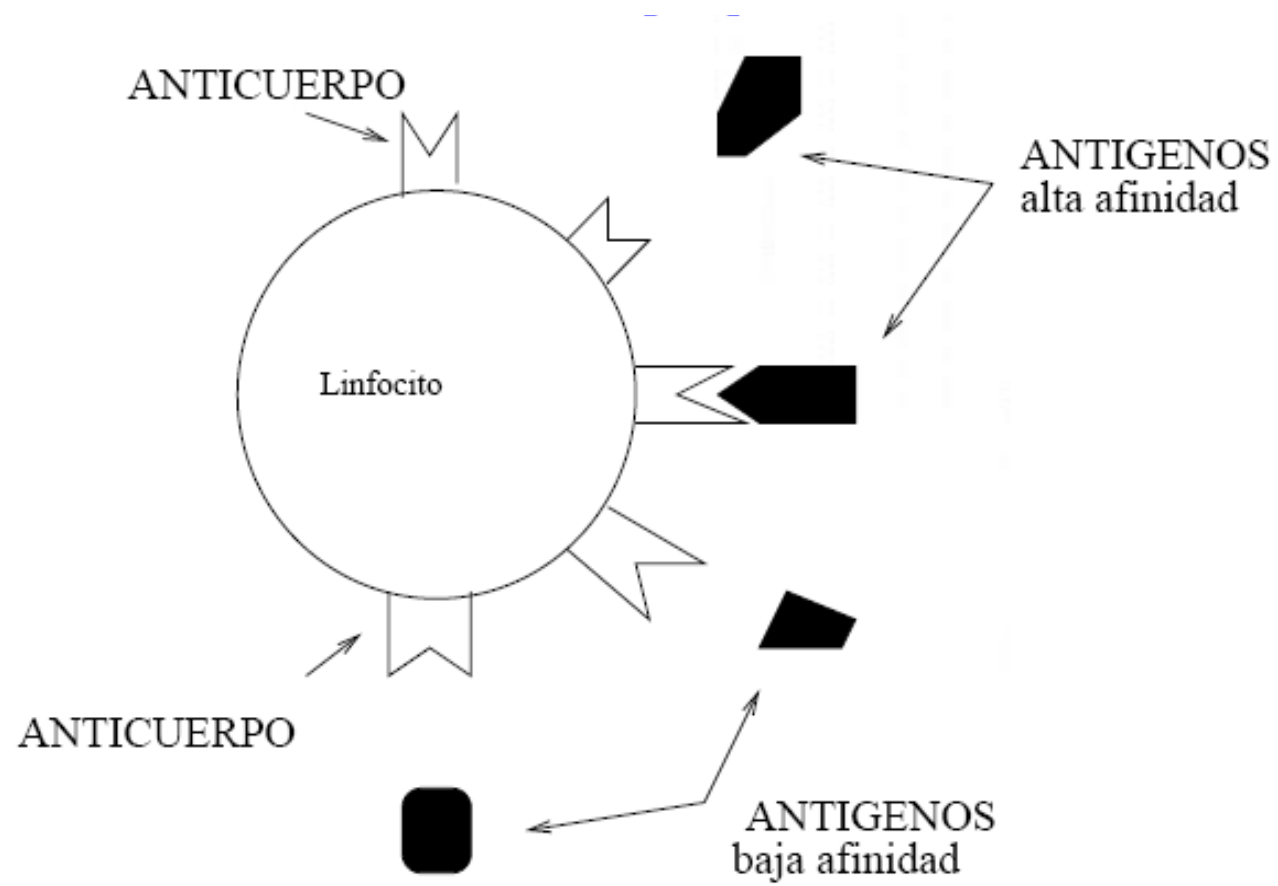
- Deposición de feromona
- Probabilidad de elección
- Evaporación de feromona

En 1996 publicó tres variantes del algoritmo para la resolución del Problema del Viajante de Comercio(Traveling Salesman Problem TSP).

Hoy en día todos estos métodos se engloban dentro de lo que se conoce como INTELIGENCIA DE ENJAMBRES.

SISTEMA INMUNE ARTIFICIAL

Los sistemas inmunes artificiales son sistemas adaptativos inspirados por la teoría de la inmunología y funciones, principios y modelos observados en el sistema inmune, que se emplean para solucionar problemas.



Características del sistema inmune

Aprendizaje

Memoria

Descentralizado

Reconocimiento de patrones

Paralelo

Diversidad

Autoregulatorio

Detección distribuida

Aunque la cantidad de modelos y aplicaciones del sistema inmune va en ascenso, solo existe un esquema muy general de cuáles son los elementos esenciales que un sistema inmune artificial debe poseer.

- Representación de los componentes del sistema,
- Un conjunto de mecanismos para evaluar las interacciones,
- Un proceso de adaptación que gobierne las dinámicas del sistema.

Existen varios modelos del sistema inmune artificial, quizá debido a que su campo de aplicación es muy amplio y a la gran complejidad del sistema inmune biológico.

- _ Modelos de timo y de médula ósea (bone marrow)
- _ Algoritmo de selección clonal
- _ Teoría de red inmune

Los modelos de timo son aquellos basados en el proceso del sistema inmune mediante el cual se crea la población de células detectoras.

Los modelos de médula ósea se refieren a la creación y maduración de los detectores del sistema inmune.

Los modelos que utilizan el algoritmo de selección clonal emulan el proceso mediante el cual el sistema inmune, ante la presencia de un antígeno específico, estimula únicamente a aquellos linfocitos que sean más afines, para después ser clonados y mutados.

Los modelos que se basan en la teoría de red inmune, emulan las interrelaciones que existen entre anticuerpos, aún en una ausencia de antígenos, es decir, la estimulación y supresión entre anticuerpos.

Los campos de aplicación del sistema inmune artificial son muy variados:

- _ Robótica
- _ Seguridad en sistemas de cómputo y redes
- _ Optimización
- _ Reconocimiento de patrones
- _ Planificación de horarios
- _ Aprendizaje Automático
- _ Control

COMPUTADORAS DE ADN

El 11 de Noviembre de 1994, Leonard M. Adleman publicó un artículo en "Science" donde describía la "Computación Molecular de Soluciones a Problemas Combinatorios".

Se considera la primera implementación de una computadora basada en ADN.

En particular, el experimento de Adleman logró resolver el problema de la Ruta Hamiltoniana para una pequeña cantidad de nodos.

Este problema consiste en hallar una ruta que recorra todos los nodos de un grafo, pasando sólo una vez por cada uno de ellos.

El problema resulta muy difícil para las computadoras convencionales porque es de tipo NP.

El problema de la Ruta Hamiltoniana se resuelve con el siguiente algoritmo:

1. Generar rutas aleatorias a través del grafo.
2. Conservar sólo aquellas rutas que inicien en el nodo inicial y concluyan en el nodo final.
3. Si el grafo tiene n nodos, conservar sólo aquellas rutas que contengan n nodos.
4. Conservar sólo aquellas rutas que tocan todos los nodos al menos una vez.
5. Cualesquiera rutas restantes son soluciones al problema.

El elemento central de la solución usando ADN fué establecer los equivalentes bioquímicos adecuados de los pasos correspondientes al algoritmo especificado.

Las operaciones que se describen a continuación pueden realizarse con ADN en los laboratorios y se denominan "Modelo no restringido de cómputo con ADN":

Síntesis de una cadena genética deseada.

Separación de cadenas considerando su longitud.

Mezcla, vertiendo dos tubos de ensayo en uno para realizar la unión.

Extracción, tomando aquellas cadenas que contengan un patrón determinado.

Fundir y/o templar, rompiendo o ligando dos moléculas de ADN con secuencias complementarias.

Amplificación, usando un compuesto denominado PCR para hacer copias de cadenas de ADN.

Corte, separando el ADN con enzimas de restricción.

Ligación, enlazando cadenas de ADN con límites complementarios "adherentes" usando un compuesto denominado ligasa.

Detección, confirmando la presencia o ausencia de ADN en un determinado tubo de ensayo.

Las operaciones mencionadas pueden usarse para "programar" una "computadora de ADN".

Adleman vislumbra la posibilidad de que una molécula simple de ADN pueda usarse para codificar la "descripción instantánea" de una MT, y que los protocolos bioquímicos y enzimas disponibles actualmente podrían, al menos bajo condiciones ideales, usarse para inducir modificaciones sucesivas en una secuencia de ADN, modificaciones que serían el equivalente de la ejecución de una MT.

La ejecución del experimento de Adleman llevó aproximadamente una semana.

Aunque este problema específico puede resolverse en papel en menos de una hora, cuando el número de nodos se incrementa a 70, el problema se vuelve excesivamente complejo aún para una super-computadora.

Actualmente, las super-computadoras más veloces pueden ejecutar 1000 millones de instrucciones por segundo (1000 MIPS).

Una molécula simple de ADN necesita aproximadamente 1000 segundos para ejecutar una instrucción, por lo cual su velocidad sería inferior a 0.001 MIPS.

Obviamente, si se desea realizar un solo cálculo a la vez (arquitectura secuencial), las computadoras de ADN no son una opción viable.

Sin embargo, si se desea ejecutar muchos cálculos simultáneamente (arquitectura paralela), una computadora como la descrita puede ejecutar fácilmente 10^{14} MIPS.

Las computadoras de ADN también requieren menos energía y espacio.

Mientras que las computadoras actuales ejecutan 10^9 operaciones por Joule de energía consumida, las computadoras de ADN podrían ejecutar 2×10^{19} operaciones.

Esto significa 10^{10} veces más eficiencia.

Los datos pueden almacenarse en el ADN a una densidad aproximada de 1 bit por nanómetro cúbico (nm^3), mientras que los medios actuales de almacenamiento requieren 10^{12} nm^3 para cada bit.

Al ver al ADN como elemento de cómputo, los bioquímicos pueden generar moléculas mediante nuevos procesos, que serían similares a algoritmos computacionales, con lo cual su nivel de control sería quizá mejor que el de los procesos bioquímicos tradicionales.

Algunas aplicaciones recientes incluyen, por ejemplo, la construcción de pseudo-enzimas.

A pesar de las actuales limitaciones físicas y lógicas del hardware de ADN, en el futuro el posible hardware biológico podría ser quizá más veloz que el electrónico para aplicaciones que requieran paralelismo.

Se tendría la ventaja de que lo vivo puede reproducirse por sí mismo, y eso es algo que las computadoras electrónicas actuales todavía no pueden hacer. La aplicación de un posible hardware biológico depende en gran medida de su posibilidad de automatización, que quizás no esté muy lejana.

